

Il riordino varietale italiano: nuove tecnologie per un'impresa titanica

New technologies for the chestnut germplasm characterization

Il castagno è una specie dalla biodiversità intra-specifica elevatissima e, data l'abbondanza di contesti in cui i semenzali possono naturalmente raggiungere l'età produttiva e dimostrare il loro valore agronomico, l'attività di selezione di cultivar è stata costante per migliaia di anni. Nei pochi scambi di varietà tra areali diversi, inoltre, ci sono stati spesso cambi di denominazione con insorgenza di sinonimie. Il patrimonio varietale è dunque particolarmente abbondante, confuso e ancor poco descritto e una delle istanze del mondo castanicolo emerse entro i lavori del tavolo tecnico di settore MASAF è la necessità di fare ordine tra denominazioni varietali e territoriali in modo da fornire informazioni precise ed ordinate relativamente alle varietà più interessanti per la coltivazione. Una pietra miliare lungo la strada del riordino varietale è costituita dall'Atlante dei Fruttiferi, curato da Fideghelli nel 2016, dove sono censite 436 cultivar autoctone di cui 84 con breve descrizione e foto a corredo, 112 descritte in forma tabulare e 240 solo citate. Le puntuali indicazioni sull'origine e le fonti bibliografiche disponibili sono inoltre un ottimo punto di partenza per ulteriori indagini. Il lavoro contiene moltissime informazioni agronomiche e morfologiche ma nell'ampio panorama varietale descritto, molteplici possono essere i casi di sinonimia ancora da individuare. Per un efficace

riordino varietale è necessario che i dati siano il più possibile correlati alla genetica del materiale descritto e organizzati per l'interrogazione trasversale e il confronto.

Si parla da molti anni di impronte genetiche come strumento per l'identificazione varietale rapido e oggettivo, anche perché constano di dati alfanumerici facilmente interrogabili e confrontabili. Con il progetto CASTAR-RAY, abbiamo individuato nuovi metodi di rilievo delle impronte genetiche in castagno, basati sull'analisi di poche sequenze di DNA codificante distribuite uniformemente sui cromosomi che presentano varianti alleliche diffuse tra le cultivar. Le varianti alleliche sono rilevabili amplificando il DNA con sonde FRET (TaqMan, KASP o PACE), che forniscono risultati chiari e puntuali in tempi brevi e con macchinari relativamente economici (Nunziata *et al.* 2020; <https://doi.org/10.3390/ijms21134805>). Dato che i risultati delle analisi sono tali da consentire il cumulo e la metanalisi di dati provenienti da diversi progetti di caratterizzazione genetica, abbiamo ricevuto l'incarico di contribuire, tramite il loro utilizzo, al riordino del patrimonio varietale italiano. Il lavoro è finanziato dal MASAF con D.D. 0667521 del 30/12/2022 entro la task 1.4 della linea di ricerca per la valorizzazione ed il recupero della filiera castanicola del progetto VALO. RE IN CA.M.P.O.

Per indagare il maggior numero possibile di cultivar, abbiamo campionato prima di tutto due grandi collezioni di germoplasma castanicolo, una nel Nord Italia e una nel Sud.

Il 6 febbraio 2024 siamo stati a Chiusa di Pesio (CN) e abbiamo campionato 129 accessioni, tra cultivar, ibridi e portinnesti nel Centro Regionale di Castanicoltura del Piemonte (ora Centro Nazionale) e nel Centro di Conservazione e Premoltiplicazione del castagno. Abbiamo potuto anche fare rilievi morfologici e fotografici su rami dormienti di 106 accessioni nel *Castanetum*. Il 21 marzo, poi, abbiamo raggiunto la collezione "Vecchiarello" a Sersale (CZ), gestita dall'Agenzia Regionale per lo sviluppo Agricolo Calabrese, dove abbiamo potuto campionare 83 diverse accessioni e fare i rilievi morfologici e fotografici sui rami dormienti.

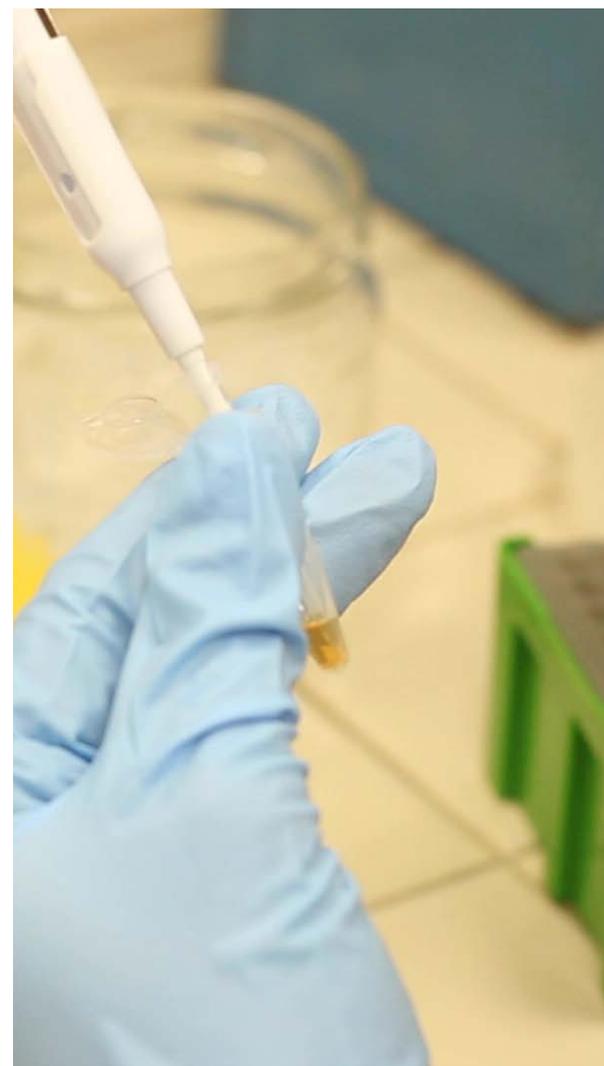
Purtroppo, le accessioni campionate si sovrappongono soltanto



parzialmente con il Registro Nazionale dei Fruttiferi, che include 230 cultivar, e il lavoro da fare resta ancora tanto. È per questo che confidiamo molto nella metodologia di analisi adottata che, per le sue caratteristiche di elevata trasferibilità, consente un approccio corale al problema: tutte le istituzioni di riconosciuta affidabilità potranno contribuire ad arricchire i dati con nuove impronte genetiche, che si sommeranno a quelle già rilevate, sovrapponendosi o aggiungendosi alla lista dei genotipi caratterizzati, che ad oggi sono 150. La sede di Arezzo del CREA - Foreste e Legno sta caratterizzando circa 100 ulteriori accessioni producendo dati pienamente confrontabili con i nostri. Abbiamo ricevuto disponibilità di materiali da parte dell'Università

di Bologna per la caratterizzazione di parte delle tre principali collezioni di castagno Emiliane, e analogo interesse all'uso della nostra metodologia dalla sede di Porano del CNR-IRET, dall'Università Politecnica delle Marche, dall'Università di Firenze e da diverse reti nazionali e locali di castanicoltori.

Il progetto VALO. RE IN CA.M.P.O., con la sua complessa articolazione, ha fornito una preziosa opportunità di collaborazione su temi legati alla castanicoltura tra sedi diverse del CREA e con le Università di Torino e di Firenze. Questo ha aiutato a porre buone basi per svolgere, nel tempo, una indagine capillare nei territori maggiormente vocati tesa a garantire il raggiungimento di risultati stabili, che si aggiungeranno ed integreranno a quelli finora registrati.



The chestnut tree has exceptionally high intraspecific biodiversity, with natural seedling propagation leading to centuries of cultivar selection. However, limited variety exchange has caused naming inconsistencies, creating a vast but disorganized varietal heritage. The MASAF technical sector identified the need to standardize chestnut cultivar names and classifications. A key reference is the Atlante dei Fruttiferi (2016), which catalogs 436 native cultivars, but many synonymy cases remain unresolved. To improve identification, genetic fingerprinting is being used through the VALO. RE IN CA.M.P.O. project, funded by the Ministry of Agriculture, Food Sovereignty, and Forests (D.D. n. 0667521 del 30.12.2022), analyzing specific DNA sequences with FRET probes (TaqMan, KASP, or PACE). This allows for quick and accurate varietal identification, supporting a broader effort to reorganize Italy's chestnut genetic resources.

Fieldwork includes sampling two major germplasm collections: 129 accessions in Chiusa di Pesio (Piedmont) and 83 in Sersale (Calabria). However, overlap with the National Fruit Tree Register is limited, requiring further study. The project fosters collaboration among CREA, universities, and research institutes to expand the genetic database.

Funded under the Valore in Campo project, this effort aims to create a comprehensive, stable classification system for Italian chestnut varieties, ensuring their preservation and improved management.

Nunziata A.¹, Gentile D.¹

¹C.R.E.A. Council for Agricultural Research and Economics—Research Centre for Olive, Fruits and Citrus Crops